

University of Groningen

High dimensional data analysis for new insight in ovarian cancer phenotypes

Fehrmann, Rudolf Stephan Nicolaas

IMPORTANT NOTE: You are advised to consult the publisher's version (publisher's PDF) if you wish to cite from it. Please check the document version below.

Document Version

Publisher's PDF, also known as Version of record

Publication date:

2010

[Link to publication in University of Groningen/UMCG research database](#)

Citation for published version (APA):

Fehrmann, R. S. N. (2010). *High dimensional data analysis for new insight in ovarian cancer phenotypes*. [Thesis fully internal (DIV), University of Groningen]. [S.n.].

Copyright

Other than for strictly personal use, it is not permitted to download or to forward/distribute the text or part of it without the consent of the author(s) and/or copyright holder(s), unless the work is under an open content license (like Creative Commons).

The publication may also be distributed here under the terms of Article 25fa of the Dutch Copyright Act, indicated by the "Taverne" license. More information can be found on the University of Groningen website: <https://www.rug.nl/library/open-access/self-archiving-pure/taverne-amendment>.

Take-down policy

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

Downloaded from the University of Groningen/UMCG research database (Pure): <http://www.rug.nl/research/portal>. For technical reasons the number of authors shown on this cover page is limited to 10 maximum.

Stellingen

Behorende bij het proefschrift "High dimensional data analysis for new insight in ovarian cancer phenotypes"

1. De geringe overlap tussen de verschillende prognostische genexpressieprofielen voor het ovariumcarcinoom komt deels doordat veel meer dan de geïdentificeerde genen predictieve informatie bevatten. (dit proefschrift)
2. Ribosomale eiwitten (zoals *RPS13*, *RPL27*, *RPS20*) zijn goede kandidaten voor normalisatie van RT-PCR experimenten. (dit proefschrift)
3. Het 86-genexpressieprofiel van primaire hoog stadium sereuze ovariumcarcinomen toont een verschil tussen patiënten met een slechte en een relatief goede overleving. (dit proefschrift)
4. Een fenotype permutatietest dient standaard uitgevoerd te worden wanneer een onafhankelijke dataset niet voor handen is om de generaliseerbaarheid van een prognostisch profiel te testen. (dit proefschrift)
5. Activatie van de proteasome route leidt tot platinum resistentie en kortere overleving van patiënten met een ovariumcarcinoom. (dit proefschrift)
6. Vanwege 'multiple testing' problematiek en de betere signaal-ruis-verhouding kunnen cellulaire processen beter geïnterpreteerd worden aan de hand van gecorreleerde genen (Transcriptional System Regulator scores) dan individuele genexpressie signalen. (dit proefschrift)
7. Het bepalen van de activatiestatus van intracellulaire routes in tumoren identificeert patiënten die baat hebben bij therapieën specifiek gericht op deze intracellulaire routes. (naar aanleiding van Nature 2008;452:564-570)
8. 'Expression quantitative trait loci' (eQTL) mapping vormt een belangrijke schakel tussen 'Genome Wide Association Studies' en de biologische interpretatie van loci die bijdragen aan complexe ziekten. (naar aanleiding van Nat Rev Genet 2009;10:184-94)
9. Grotere flexibiliteit in studiedesign, definities, uitkomstmaten en analytische methodes in een wetenschappelijk gebied, verkleint de kans dat de onderzoeksresultaten waar zijn. (naar aanleiding van JPA Ioannidis in PLoS Med 2005;2:e124)
10. Op sequencing gebaseerde expressieanalyse zal de microarray methode vervangen voor het bestuderen van het transcriptoom, vanwege de uitstekende specificiteit, sensitiviteit, reproduceerbaarheid en de betere kwantitatieve nauwkeurigheid (naar aanleiding van Nat Rev Genet 2009;10:57-63)
11. Missing a train is only painful if you ran after it. (Nassim Nicholas Taleb)

Centrale	U
Medische	M
Bibliotheek	C
Groningen	G